



Étude des complémentarités entre gestion dynamique à la ferme et gestion statique en collection

Elise Demeulenaere, Christophe Bonneuil, François Balfourier, Alain Basson, Jean-François Berthellot, Vincent Chesneau, Henri Ferté, Nathalie Galic, Guy Kastler, Jean Koenig, et al.

► To cite this version:

Elise Demeulenaere, Christophe Bonneuil, François Balfourier, Alain Basson, Jean-François Berthellot, et al.. Étude des complémentarités entre gestion dynamique à la ferme et gestion statique en collection : Cas de la variété de blé Rouge de Bordeaux. Actes du BRG, 2008, 7, pp.117-138. hal-00459572

HAL Id: hal-00459572

<https://hal.science/hal-00459572>

Submitted on 24 Feb 2010

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Étude des complémentarités entre gestion dynamique à la ferme et gestion statique en collection : cas de la variété de blé Rouge de Bordeaux

Elise DEMEULENAERE^{(1)*}, Christophe BONNEUIL⁽¹⁾,
François BALFOURIER⁽²⁾, Alain BASSON⁽³⁾,
Jean-François BERTHELLOT⁽³⁾, Vincent CHESNEAU⁽³⁾, Henri FERTÉ⁽³⁾,
Nathalie GALIC⁽⁴⁾, Guy KASTLER⁽³⁾, Jean KOENIG⁽²⁾,
Florent MERCIER⁽³⁾, Joël PAYEMENT⁽³⁾, Alain POMMART⁽³⁾,
Bernard RONOT⁽³⁾, Yves ROUSSELLE⁽⁴⁾, Nicolas SUPLOT⁽³⁾,
Hélène ZAHARIA⁽³⁾, Isabelle GOLDRINGER⁽⁴⁾

¹ INRA-SenS, Institut Francilien Recherche Innovation Société,
77455 Marne-la-Vallée, France

² UMR Génétique, Diversité et Ecophysiologie des Céréales, 234 av. du Brézé,
63100 Clermont-Ferrand, France

³ Réseau Semences Paysannes, Cazalens, 81600 Brens, France

⁴ UMR de Génétique Végétale INRA-Univ. Paris-Sud-CNRS-AgroParisTech,
Ferme du Moulon, 91190 Gif-sur-Yvette, France

Abstract: Complementary aspects of dynamic management on farm and static conservation in genebank based on a case study: the wheat variety 'Rouge de Bordeaux'. While on-farm conservation was considered minor in the development of the National Charter on Genetic Resources in 1998, there is increasing recognition of its important role in the conservation of genetic diversity. In addition to amateur gardening associations that save and exchange seeds, farmers in France have formed networks around systems of shared seed conservation and exchanges, with the goal of protecting the diversity of cultivated species. Parallel to this, the contribution of farmers to the dynamic management of agricultural biodiversity has been recognized by many scientific studies and in international treaties. These developments led us to examine the complementary nature of on-farm and gene-bank conservation efforts in terms of the management of genetic resources. This study, which combines ethnobotanical and genetic approaches, was conducted on bread wheat, for which France has a National Collection of 10000 accessions. There is also an active network of farmers who cultivate historic varieties and land-races, including the Rouge de Bordeaux, which was chosen for a detailed study. By conducting individual interviews with farmers, we were able to understand better their management practices, seed exchanges with other farmers and with the na-

* Correspondance et tiré à part : elise.demeulenaere@ens.fr

tional collection, and strategies for maintaining and selecting this variety on their own farms. We characterized the genetic diversity conserved by several farmers and in the samples preserved in the national collection for Rouge de Bordeaux by using a comparative genetic analysis of samples obtained from farmers and from the collection, in light of the management practices and exchange networks that exist among farmers and between farmers and the national collection. Our results demonstrate that the diversity of these populations is far from being redundant. While some samples are quite homogeneous and similar to samples from the National Collection, others are highly heterogeneous. There is also a high degree of genetic differentiation among populations, with clear groupings of populations identified. The structure of the diversity may be explained by the structure of exchanges and the development of local adaptation within the populations to environmental conditions and management practices, and by differing strategies of selection and conservation. Further analysis will help us understand more precisely what defines a variety and what type of genetic diversity or phenotypic traits are conserved with different management strategies. Our results also support a greater degree of seed circulation between farmers' fields and the National Collection, to conserve the adaptive potential and a broader range of genetic diversity for each variety.

Dynamic management/ on-farm conservation/ gene-bank conservation/ genetic resources/ seed exchange networks/ adaptation

Résumé – Considérée comme mineure lors de la rédaction de la Charte nationale des ressources génétiques en 1998, la gestion à la ferme a depuis gagné en importance et en reconnaissance. En effet, après les associations de jardiniers amateurs, des réseaux d'agriculteurs se sont fédérés en France autour de systèmes mutualistes de sélection/conservation de la diversité cultivée. Parallèlement, la contribution des paysans à la gestion dynamique de l'agrobiodiversité a été scientifiquement et institutionnellement reconnue. Ces éléments nous ont conduit à examiner les complémentarités dans la gestion des ressources génétiques à la ferme et en collection. Cette étude, qui croise des approches ethnobotanique et génétique, a été menée sur le blé tendre pour lequel il existe en France une Collection Nationale de 10 000 accessions et un réseau actif d'agriculteurs-collectionneurs de variétés. Pour la variété Rouge de Bordeaux, nous avons tenté de caractériser la diversité dans les champs et en collection, en procédant à une analyse génétique d'échantillons obtenus auprès d'agriculteurs et auprès de la collection. Nos résultats montrent que les ressources génétiques conservées dans les deux compartiments sont loin d'être redondantes. La structuration de la diversité s'explique par les réseaux d'échanges de semences (entre paysans, et entre les paysans et la collection), par l'adaptation locale des populations aux conditions du milieu et aux pratiques de culture, et par les pratiques de sélection/conservation. Ces résultats appellent des analyses complémentaires pour comprendre précisément ce qui est conservé/cultivé sous un nom variétal donné, et plaident en faveur d'une circulation accrue des semences entre champs et collection.

Gestion dynamique/ gestion à la ferme/ gestion statique/ ressources génétiques/ réseaux d'échange/ adaptation

1. INTRODUCTION

La gestion des ressources génétiques se fait selon deux modes, statique ou dynamique, et peut s'appuyer sur des dispositifs *ex situ* ou *in situ*. Selon la Charte Nationale de gestion des ressources génétiques, pour des espèces annuelles à graines orthodoxes comme les céréales et dans le contexte agricole de la France, deux types de gestion *ex situ* sont décrites : (i) la conservation des graines sèches à basse température (dans la Collection Nationale) (ii) la gestion dynamique de populations génétiquement hétérogènes cultivées en stations expérimentales et ressemées d'une année sur l'autre à partir d'échantillons de la récolte précédente[†]. Pour le blé, il existe effectivement une riche banque de ressources génétiques de céréales à paille gérée par l'INRA à Clermont-Ferrand. Il existe également un programme expérimental de gestion dynamique de la diversité génétique en populations sur lequel on dispose de 20 années de recul et qui constitue une base de réflexion pour la compréhension des mécanismes évolutifs en jeu et pour l'optimisation d'un tel système [17], [20], [12]. Mais il reste un compartiment non évoqué dans la Charte nationale, qui pourrait également jouer un rôle dans la gestion des ressources génétiques : celui de la ferme. Considérée comme mineure lors de la rédaction de la Charte en 1998, la gestion à la ferme a gagné depuis en importance et en reconnaissance et mérite désormais d'être reconsidérée.

En effet, depuis les années 80, des jardiniers amateurs, des agriculteurs, des semenciers artisanaux, des botanistes, produisant ou réhabilitant savoirs et savoir-faire relatifs aux variétés délaissées par le marché, se sont organisés en collectifs et affirmés en tant qu'acteurs à part entière de la gestion du vivant [6], [5]. Des agriculteurs en particulier, dans une démarche d'application des principes de l'agriculture biologique et paysanne (conduites culturales avec faible apport d'intrants, petites exploitations dont la viabilité est maintenue grâce à une pluriactivité et une valorisation des produits en circuits courts), se sont fédérés autour de réseaux mutualistes de sélection/conservation de la diversité cultivée, parfois en collaboration avec des chercheurs institutionnels. Il est à noter que ce n'est pas un hasard si de tels systèmes voient le jour dans le contexte d'une agriculture biologique de proximité. En effet, ce modèle d'agriculture se différencie fortement du système de culture conventionnel par un grand nombre d'items, dont l'hétérogénéité des conditions culturales et des itinéraires techniques, la diversité des besoins des agriculteurs en termes de génotypes/phénotypes végétaux, l'absence actuelle dans le commerce de

[†] BRG, <http://www.brg.prd.fr/brg/ecrans/charte.htm>. La Charte estime que la gestion dynamique et la conservation à la ferme relèvent de la conservation *ex situ* au sens large, même si l'on peut objecter que le champ, en station expérimentale ou à la ferme, représente le milieu « naturel » des espèces cultivées.

variétés adaptées (du fait de faibles investissements de R&D publique et privée), les demandes spécifiques (organoleptiques, nutritionnelles, sanitaires...) des consommateurs. Nombre de ces caractéristiques sont à mettre en parallèle avec celles des agricultures vivrières et familiales des pays du Sud, pour lesquelles la reconnaissance des limites du modèle de la révolution verte a favorisé les démarches de gestion/sélection participative décentralisée [30].

Par ailleurs, de nombreuses études réalisées sur les systèmes d'agriculture traditionnels des pays du Sud ont montré que les pratiques de gestion des semences par les agriculteurs maintiennent l'ensemble des processus évolutifs (notamment la sélection à travers une diversité de pressions de sélection, et la migration, à travers les réseaux d'échanges de semences), et conduisent de ce fait à une adaptation locale des semences qui maintient dans le même temps la diversité génétique au niveau global [35], [1], [21], [4], [9]. La gestion à la ferme a été rapprochée d'une gestion dynamique en métapopulations, telle que décrite et caractérisée dans le programme expérimental mené sur l'arabette [19]. La contribution des paysans à la gestion dynamique de l'agrobiodiversité a notamment été reconnue dans le Traité International sur les Ressources Génétiques des Plantes pour l'Alimentation et l'Agriculture signé en 2001 entré en vigueur en 2004 sous l'égide de la FAO, qui engage les États à « *encourager (...) les efforts des agriculteurs et des communautés locales pour gérer et conserver à la ferme leurs ressources phytogénétiques* » (art. 5.1.c).

L'intérêt de la gestion dynamique pour la conservation de ressources génétiques adaptées et adaptables a été montré [25], [26], [11], [12], [13], [14], [31], [19], [27], mais il semble qu'un réseau constitué de stations expérimentales, tel celui utilisé dans le programme pilote sur le blé, ne puisse constituer à lui seul un système durable et opérationnel. En effet, (i) le nombre de stations prêtes à s'engager à long terme dans ce dispositif est limité ; (ii) les conditions de culture très standardisées dans les stations couvrent une gamme de variation nettement plus faible que celles rencontrées dans les fermes ; (iii) les pressions de sélection naturelles à l'œuvre dans la gestion dynamique ne contribuent pas efficacement au maintien de la variabilité pour les caractères dits « d'intérêt » au niveau agronomique ou économique (en lien avec la valorisation des produits).

La prise en compte de l'ensemble de ces éléments nous a conduit, dans un projet financé par le Bureau des Ressources Génétiques, à **reconsidérer le rôle de la gestion à la ferme dans le paysage de la conservation des ressources génétiques en France**, et à examiner ses **complémentarités avec la conservation en collection**. Nous avons mené cette étude sur le blé tendre (*Triticum aestivum*), pour lequel il existe à la fois une collection de plus de 10 000 accessions (1/3 d'origine française), décrites pour des

caractères agronomiques, des spectres NIRS et dont 4 000 ont été caractérisées par des marqueurs moléculaires [33], et un réseau actif d'agriculteurs, dont certains s'impliquent dans la recherche, la culture, la conservation ou la sélection à la ferme de plus d'une centaine de variétés anciennes ou locales, depuis plus de 10 ans. Nous avons tenté pour une variété de blé donnée, de caractériser la diversité conservée à la ferme et en collection, en procédant à une analyse génétique comparative d'échantillons obtenus auprès d'agriculteurs et auprès de la collection. Nous avons mis cette diversité conservée à la lumière des pratiques de gestion dans les champs et dans la collection, et à la lumière des échanges de graines existant entre paysans et acteurs institutionnels de la gestion des ressources génétiques.

2. MATÉRIEL ET MÉTHODES

2.1. Enquêtes sur les échanges de semences et sur les pratiques et les usages

Une trentaine d'entretiens individuels avec des producteurs de blé engagés dans la gestion/sélection de semences paysannes ont été réalisés au printemps 2005. Nous nous sommes appuyés pour identifier ces producteurs sur des indications données par le gestionnaire du CRG INRA de Clermont-Ferrand, ainsi que et sur le Réseau Semences Paysannes (RSP), association créée en 2003 pour promouvoir et défendre les semences paysannes, et qui a mené lors de sa création le premier travail d'inventaire des initiatives paysannes autour des variétés locales et anciennes [34], [8]. Ces entretiens ont été complétés par une participation régulière aux réunions du Réseau Semences PaysannesRSP, au cours desquelles les stratégies de conservation et d'échanges étaient discutées entre adhérents.

Les entretiens individuels, conduits autour des motivations des agriculteurs à s'engager dans la culture de semences paysannes, autour des pratiques de conservation à la ferme, autour des origines des variétés et des savoirs et savoir-faire associés et de leurs modalités de transmission, ont permis de réaliser un inventaire des variétés cultivées, et d'établir leur circulation dans un réseau comportant plus de 200 acteurs (comprenant agriculteurs et acteurs institutionnels de la conservation, dont le CRG INRA Clermont). Selon les acteurs, la notion de variété peut prendre plusieurs sens et recouvrir des degrés d'hétérogénéité génétique différents [10]. Dans ces enquêtes, nous avons considéré les catégories variétales telles que définies et nommées par les agriculteurs, sans préjuger de leur recoupement avec les variétés des sélectionneurs. Certaines d'entre elles sont très hétérogènes et sont plus volontiers qualifiées de « variétés-populations » par les

agronomes[‡]. Notre inventaire des variétés et des échanges s’est accompagné d’un recueil d’informations sur les discours et les pratiques de gestion de la diversité cultivée.

Nous disposons par ailleurs de la liste des lots de semences diffusés à l’extérieur par le CRG INRA Clermont depuis 1994 (depuis l’informatisation de la base de données).

2.2. Analyses phénotypique et génétique des populations de blé

2.2.1. *Variété-population étudiée : la variété Rouge de Bordeaux*

À partir du réseau de circulation des variétés, nous avons identifié la variété « Rouge de Bordeaux » comme un bon modèle pour notre étude. Comme illustré sur la figure 1, cette variété ancienne (1884), appréciée pour ses qualités en panification artisanale, est en culture chez de nombreux « paysans-boulangers ». Cette variété possédait à l’origine une certaine hétérogénéité génétique, puisqu’elle est issue de sélection massale (à partir de Noé, elle-même sélection massale dans des variétés de pays d’origine russe), et a probablement acquis à travers les cycles de culture dans les champs encore plus de variabilité. C’est pourquoi nous la qualifions de variété-population. La figure 1 montre en outre que des lots de semences ont circulé (dans un sens ou dans l’autre) entre le CRG INRA Clermont et des agriculteurs. Nous avons choisi d’étudier les populations en fonction de leur position dans le schéma d’échanges, mais également de la facilité à obtenir des échantillons. Il s’agit de 19 populations dites de Rouge de Bordeaux (RB) cultivées par 10 agriculteurs différents, certains cultivant plusieurs origines de RB ou bien une même origine selon plusieurs modalités. Quatre échantillons, correspondant chacun aux 4 accessions répertoriées dans la collection de Clermont-Ferrand sous l’étiquette RB ou « type » RB, ont été intégrés dans l’étude, dont l’un (code erge 6310) sert de référence pour la variété Rouge de Bordeaux.

Quelques variétés-populations supplémentaires également très cultivées par les paysans ont été ajoutées à cette étude : deux échantillons de Concorde, le « mélange de James » et la « Touselle de Mayan », ainsi que les échantillons de deux Touselles de la collection faisant partie du mélange (Touselle blanche barbue, blé tétraploïde, et Touselle annone). Elles ont été utilisées dans certains cas comme références extérieures à l’ensemble des RB.

[‡] L’agronome Jean Bustarret propose le terme en 1944, pour l’opposer aux variétés lignées pures et aux clones [7].

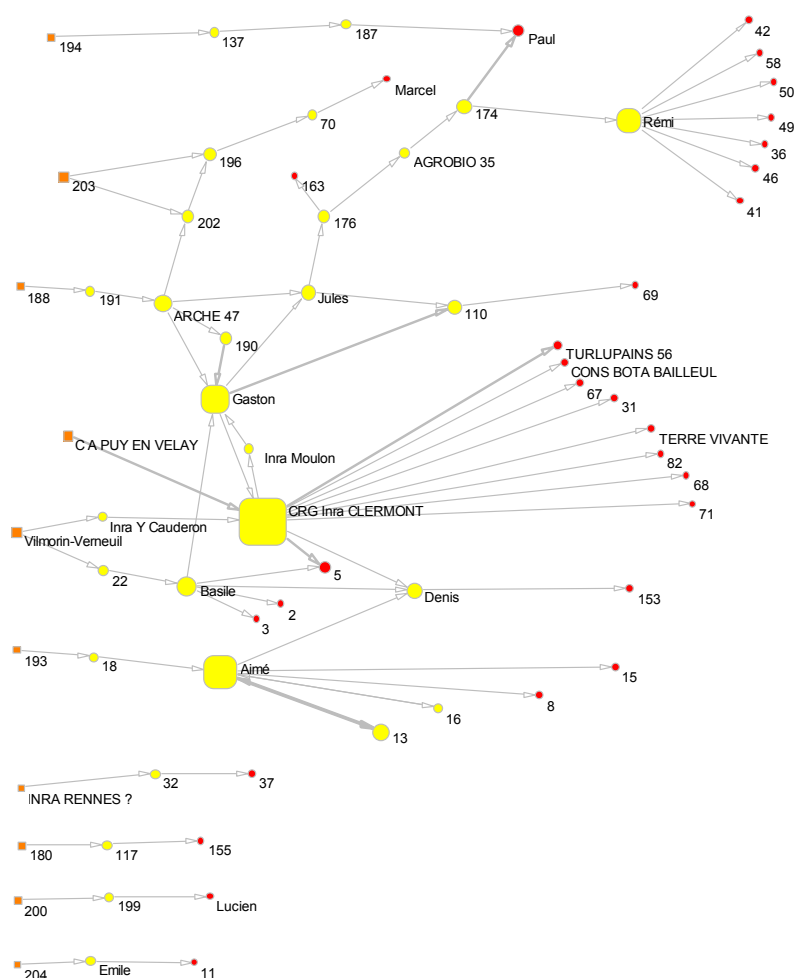


Figure 1 : Circulation de la variété-population Rouge de Bordeaux dans un réseau hybride comprenant agriculteurs (rendus anonymes par des numéros ou des prénoms fictifs) et acteurs institutionnels de la sélection-conservation.

2.2.2. Caractérisation phénotypique des populations

Les 23 échantillons ont été évalués en station au Moulon (région parisienne) dans un dispositif à deux répétitions en blocs complets dans des micro-parcelles de deux rangs, comportant chacune 35 à 40 plantes. Le semis a été réalisé le 8 novembre 2006. Les mesures de précocité d'épiaison ont été réalisées en pourcentage de plantes épiées au cours du temps afin d'estimer la date d'épiaison moyenne de la parcelle et son étalement. Des mesures sur les épis récoltés plante à plante sont en cours. Dans un autre

dispositif, ces mêmes échantillons ont été semés au printemps (le 26 avril 2007) sans vernalisation préalable afin d'évaluer la proportion de plantes de type hiver (nécessitant une période de froid pour épier) et celle de type printemps (qui épie indépendamment des températures froides). Le nombre de plantes épiées sur un total de 26 à 34 plantes dans chaque échantillon a été compté chaque semaine du 22 juin au 13 août.

Les échantillons ont également été mis en culture dans six fermes parmi leurs sites d'origine, suivant un protocole établi en étroite collaboration avec les agriculteurs concernés : 10 échantillons/site avec un jeu commun, une évaluation prenant en compte les critères d'observation des paysans. Ces données ne sont pas encore disponibles.

2.2.3. Marquage microsatellite

Un fragment de feuille a été prélevé sur 20 (cas d'un échantillon) à 42 individus par échantillon le 19 mars dans le dispositif au champ. Les ADN ont été extraits avec purification sur membranes de silice selon un protocole adapté d'après la procédure Qiagen au laboratoire de l'UMR de Génétique Végétale du Moulon. Le génotypage microsatellite de ces individus (938) pour 21 locus microsatellites a été réalisé à la plateforme de génotypage INRA de Clermont-Ferrand. Dix-neuf marqueurs (*Xgwm*) développés par Röder *et al.* [32] et le marqueur Cfd71 développé par Guyomarc'h *et al.* [16] qui amplifie deux locus sur deux chromosomes ont été choisis pour couvrir les 21 chromosomes du blé. Suite à des difficultés techniques, les résultats ne sont disponibles que pour 13 marqueurs, qui se sont tous avérés polymorphes dans les échantillons étudiés. Les protocoles PCR ont été adaptés de Röder *et al.* [32] et Guyomarc'h *et al.* [16]. Les bandes amplifiées ont été séparées sur un séquenceur ABI 3100 semi-automatique, et analysées avec GeneMapper software (v 3.7, Applied Biosystems).

2.2.4. Analyses de la diversité génétique

Pour chaque population, les fréquences alléliques, le nombre moyen d'allèles, la diversité de Nei [24] ou hétérozygotie attendue H_e , l'hétérozygotie observée H_o et le coefficient de consanguinité ($F_{IS} = 1 - H_o/H_e$) ont été estimés à l'aide du logiciel GENETIX v4.05.2 [3]. La différenciation génétique entre populations (proportion de diversité totale expliquée par l'écart des fréquences alléliques entre populations) a été évaluée à travers l'estimateur θ proposé par Weir et Cockerham [36], estimé ici avec le logiciel FSTAT version 2.9.3.2 [15]. La signification des valeurs de θ estimées entre populations a été testée par des permutations de génotypes entre les populations échantillonnées dans FSTAT. La proximité des populations a été visualisée à l'aide d'un arbre construit selon la méthode UPGMA à partir des θ , dont la robustesse des nœuds a été évaluée avec

1000 bootstraps sur les locus. Trois variétés sans rapport de parenté avec le Rouge de Bordeaux ont été utilisées comme « out groups ». Nous avons également réalisé une analyse factorielle des correspondances (AFC) à l'aide du logiciel GENETIX v4.05.2 [3] afin de décrire la distribution des individus entre et à l'intérieur des populations.

3. RÉSULTATS

3.1. Organisation de la diversité inter-populations

Les résultats qui suivent sont à prendre avec précaution, étant donné le faible nombre de marqueurs (13) et le taux de données manquantes relativement élevé (respectivement 254, 40, 173, 5, 6, 62, 289, 412, 45, 35, 15, 37 et 130 sur 938 individus génotypés, soit des taux allant de 0,5% à 43,9%)§.

Les indices de différenciation par paires de populations estimés par le paramètre θ sont présentés dans le tableau I, avec leurs *P-values* associées. Les populations sont en majorité significativement différenciées et présentent des θ élevés. En revanche, certaines apparaissent très proches génétiquement, comme l'accession « référence » de la collection, Col6310, et les populations de Denis (2003 et 2006) et Basile (2003 surtout), celles-ci étant également proches entre elles. Les populations de trois autres agriculteurs (Gaston, Lucien et Jules) apparaissent également très proches génétiquement. Les variétés conservées ou cultivées par un même agriculteur mais avec des pratiques différentes (RB-BasileCons06 et RB-BasileSol06, RB-Basile-2ep03 et RB-Basile-Mel03), ou bien prélevées à des générations différentes (RB-Denis03 et RB-Denis06, RB-GastonSel03 et RB-Gaston06) sont également très proches génétiquement. Parfois, s'il s'agit d'une sélection de quelques épis au sein d'une variété (Rouge-Roc05 et RB-GastonSel03), on peut observer une différenciation significative.

§ Des analyses sont en cours pour compléter ces données.

Tableau 1: Theta (estimateur du Fst de Weir et Cockerham, 1984) par paire de populations (demimatrice au-dessus de la diagonale)

et P-values obtenues avec 5000 permutations (perméance sous la diagonale)																				
Théa	RB- Amé	RB- Basile Cos06	RB- Basile Isd06	RB- Denis 03	RB- Denis 06	Rouge- Roc05	RB- Jules	RB- Lucien	RB- Marcel	RB- PaulN2	RB- PaulN3	Col 6310	Col 23760	Col 23756	RB- Basile 2ep03					
RB-Amé	-----	0.7942	0.8204	0.8080	0.8710	0.8485	0.3361	0.0649	0.1375	0.0557	0.1691	0.8480	0.0180	0.3763	0.8699	0.8207	0.8376	0.2605	0.8576	
RB-Basile	0.0002	-----	0.0000	0.1817	0.1571	0.9540	0.9344	0.5123	0.7841	0.5938	0.4445	0.7452	0.9046	0.9750	0.3086	0.7214	0.9488	0.8573	0.2182	
RB-Basile Isd06	0.0002	0.6953	-----	0.2893	0.2893	0.9228	0.9245	0.5546	0.8062	0.6400	0.4929	0.6403	0.9046	0.9566	0.3575	0.7088	0.9350	0.8534	0.3270	
RB-Denis03	0.0002	0.1950	0.1443	-----	0.0257	0.9195	0.9041	0.5846	0.8578	0.6496	0.5247	0.5737	0.8937	0.9319	0.0000	0.8575	0.9297	0.8380	0.0000	
RB-Denis06	0.0003	0.0016	0.0002	1.0000	-----	-----	0.9476	0.9287	0.8642	0.6962	0.5638	0.8130	0.9334	0.9596	0.0170	0.9096	0.9666	0.8669	0.0000	
Rouge- Charmlas	0.0003	0.0002	0.0002	0.0002	-----	-----	-----	0.9263	0.6662	0.8592	0.7462	0.5654	0.9531	0.9268	0.9608	0.9453	0.9106	0.9541	0.8719	0.9448
RB-Emile	0.0003	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	-----	-----	0.2807	0.3953	0.3648	0.4020	0.9243	0.4052	0.0701	0.9282	0.9153	0.1509	0.9244	
RB- Gaston06	0.3792	0.0002	0.0002	0.0002	0.0710	0.0285	0.0053	-----	0.1131	0.0000	0.0024	0.5649	0.1744	0.3187	0.5939	0.6727	0.6850	0.2058	0.5867	
Rouge- Roc05	0.0127	0.0111	0.0130	0.0002	0.0002	0.0004	0.0002	0.0006	-----	-----	0.1069	0.2246	0.8488	0.1902	0.4753	0.8325	0.8546	0.8248	0.2713	0.8311
RB-Jules	0.2158	0.0004	0.0002	0.0002	0.0277	0.0046	0.0002	1.0000	0.00099	-----	0.0025	0.5342	0.1983	0.4139	0.6666	0.7285	0.7500	0.2636	0.6577	
RB-Lucien	0.1614	0.0002	0.0002	0.0002	0.0689	0.0012	0.0002	0.5257	0.0004	0.3810	-----	0.4861	0.3005	0.4380	0.6564	0.6989	0.3117	0.5220	0.9220	
RB-Marcel	0.0003	0.0002	0.0002	0.0002	0.0694	0.0213	0.0030	0.1652	0.0002	0.2951	0.1433	-----	0.9276	0.9654	0.6937	0.8759	0.9649	0.8411	0.7321	
RB-PaulN2	0.2629	0.0002	0.0002	0.0002	0.0006	0.0002	0.0002	1.0000	0.00059	0.0202	0.0093	0.0111	-----	0.5114	0.9181	0.9112	0.9168	0.3037	0.9206	
RB-PaulN3	0.0003	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.2638	0.0044	0.0002	0.0002	0.0002	0.0030	0.0002	-----	0.9582	0.9395	0.9487	0.0772	0.9562	
Col6310	0.0003	0.0042	0.0002	NA	0.6435	0.0002	0.0002	0.0061	0.0002	0.0008	0.0002	0.0032	0.0002	0.0002	-----	0.8847	0.9531	0.8573	0.0000	
Col23760	0.0003	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0024	0.0002	0.0002	0.0002	0.0044	0.0002	0.0002	0.0002	-----	0.9368	0.8529	0.8912	
Col23756	0.0003	0.0002	0.0002	0.0002	0.0010	0.0002	0.0002	0.0129	0.0004	0.0030	0.0002	0.0121	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.8516	0.9536	
Col23761	0.0003	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0002	0.0024	0.0053	0.0002	0.0006	0.0002	0.0040	0.0002	0.0002	0.0014	0.0002	0.0002	0.0002	0.8514	
RB-Basile- 2ep03	0.0003	0.0053	0.0002	1.0000	1.0000	0.0002	0.0002	0.0204	0.0002	0.0057	0.0006	0.0200	0.0002	0.0002	0.4142	0.0002	0.0002	0.0002	-----	
RB-Basile Mep3	0.0003	0.0032	0.0002	NA	1.0000	0.0002	0.0002	0.0040	0.0002	0.0006	0.0002	0.0036	0.0002	0.0002	0.0601	0.0002	0.0002	0.0002	0.2830	
RB-Rem03	0.0003	0.0002	0.0002	0.0002	0.0014	0.0002	0.5838	0.0158	0.0002	0.0042	0.0004	0.0134	0.0006	0.0632	0.0002	0.0002	0.0002	0.0032	0.0002	
RB-gaston- Sed3	0.0029	0.0004	0.0002	0.0006	0.0046	0.0002	0.0006	0.0125	0.0002	0.0123	0.0123	0.0741	0.0002	0.0004	0.0002	0.0002	0.0002	0.0079	0.0002	
Les valeurs de théta en gras sont significatives au seuil 0.0002, soulignées, elles sont significatives à 1% et en italique, elles sont proches de 0 (inférieures à 1%).																				

L'arbre représentant l'organisation globale des différentes populations à partir des indices de différenciation θ (fig. 2) montre les deux groupes déjà décelés dans la matrice : le groupe (1) avec les populations des agriculteurs Basile et Denis associés au numéro 6310 de la collection d'un côté, et le groupe (2) avec les populations des agriculteurs Gaston, Lucien et Jules qui agglomèrent ensuite ceux de Paul, Rémi, Émile et Aimé ainsi que le numéro

23761 de la collection. Les trois variétés non apparentées utilisées comme « out-groups » s'enracinent bien à la base de l'arbre, mais on retrouve également là, à l'extérieur du groupe des Rouges de Bordeaux, deux accessions de la collection et le Rouge des Charmilles. La variété RB de Marcel se rattache faiblement au premier groupe.

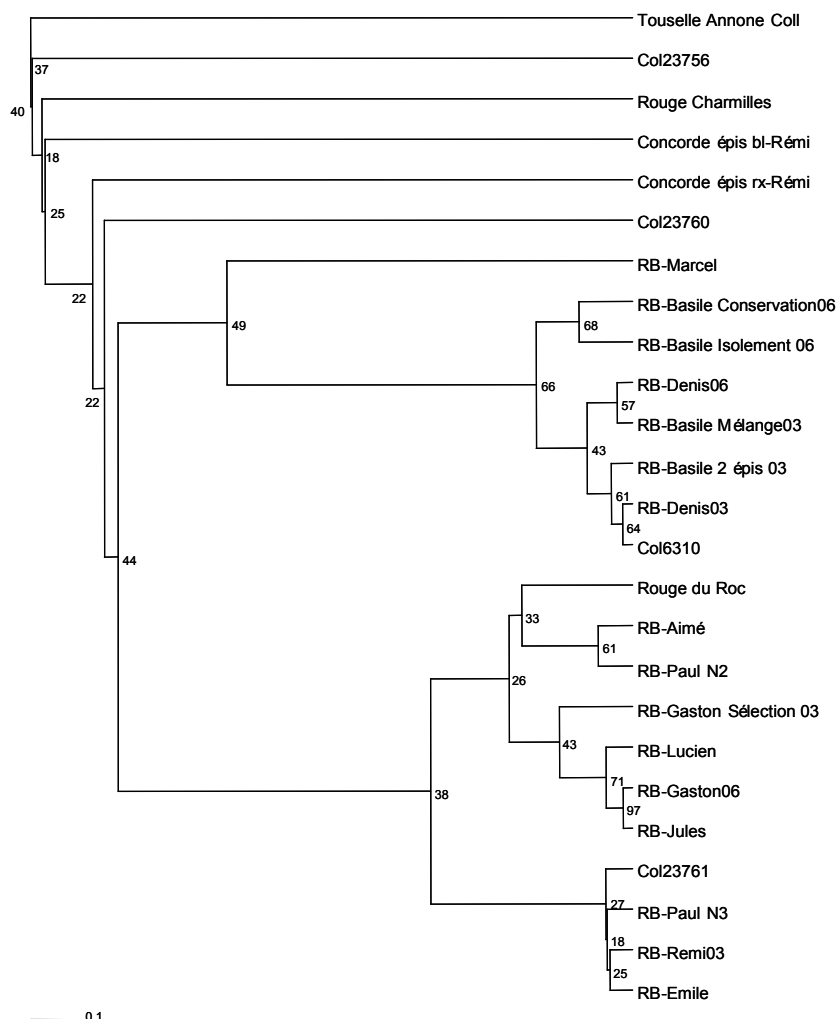


Figure 2 : Arbre reconstruit par la méthode UPGMA à partir des indices de différenciation entre populations estimés par le paramètre θ sur les données de génotypage microsatellite (13 locus). Les valeurs de bootstrap des nœuds ont été obtenues avec 1000 tirages des locus. Les variétés « Touselle Annone Coll », « Concorde épis bl-Rémi », « Concorde épis rx-Rémi » ont été utilisés comme « out-groups » car elles ne sont pas apparentées à la variété Rouge de Bordeaux.

La projection des individus des groupes de RB identifiés ci-dessus dans le premier plan de l'AFC (fig.3) permet de voir que tous les individus de l'accession 6310 de la collection sont bien regroupés (en haut à droite), associés aux individus appartenant aux populations de Basile et Denis (groupe (1)). Aucun d'entre eux ne se trouve projeté dans le quartier en bas à droite où se trouvent la plupart des individus du groupe (2). Au contraire, de nombreux individus des populations de Gaston et Lucien se retrouvent dans le quartier en haut à droite, indiquant une plus forte hétérogénéité au sein de ces populations et/ou un mélange de génotypes.

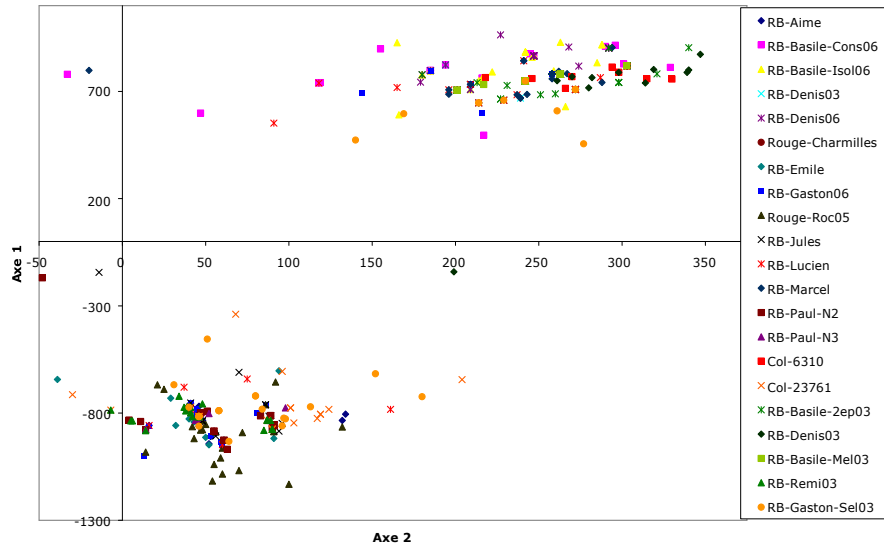


Figure 3 : Projection des individus dans le plan défini par les deux premiers axes de l'AFC réalisée sur les données de génotypage microsatellite (13 locus). La figure se focalise sur un secteur du plan qui contient les deux groupes de RB étudiés identifiés sur l'arbre. L'axe 1 explique 11,32 % de la variation et l'axe 2, 6,45 %.

3.2. Diversité intra-populations

Seul un échantillon est complètement homogène génétiquement (RB-Basile-Mel03), mais un bon nombre est assez homogène avec une diversité génétique intra-population inférieure à 10% (tabl. II). C'est le cas pour trois des quatre accessions de la collection et pour toutes les populations de Denis et de Basile, c'est-à-dire pour tous ceux du groupe (1). En plus, les populations d'Émile, Marcel et Paul ainsi que le Rouge des Charmilles ont une diversité du même ordre.

Tableau 2: Paramètres de diversité intra-échantillon.

	RB- Aimé	RB- Basile Cons06	RB- Basile Isol06	RB- Denis0 6	RB- Denis0 3	Rouge- es	RB- Charmil es	RB- Emile 06	Rouge- Roc05	RB- Jules	RB- Lucien	RB- Marcel	RB- Paul N2	RB- N3	Cd 6310	Col 23760	Col 23756	Col 23761	RB- Basile 2ep03	RB- Basile Mel03	RB- Remi0 3	RB- Gaston Sel03
He	0.151	0.066	0.044	0.059	0.016	0.026	0.067	0.367	0.181	0.313	0.365	0.016	0.070	0.026	0.028	0.069	0.037	0.152	0.027	0.000	0.110	0.310
(écart- type)	0.131	0.135	0.139	0.116	0.025	0.050	0.084	0.199	0.181	0.210	0.236	0.046	0.098	0.066	0.089	0.163	0.106	0.130	0.059	0.000	0.084	0.248
Ho	0.002	0.064	0.004	0.018	0.002	0.003	0.012	0.019	0.034	0.005	0.016	0.003	0.008	0.008	0.008	0.017	0.018	0.061	0.014	0.000	0.008	0.027
(écart- type)	0.009	0.151	0.013	0.032	0.007	0.009	0.027	0.029	0.032	0.013	0.046	0.012	0.015	0.019	0.022	0.044	0.039	0.056	0.035	0.000	0.019	0.055
Nbre Moyen d'alleles/lo cus	1.846	1.25	1.231	2	1.385	1.3077	2	3.4615	2.3846	22.31	2.4615	1.1538	1.923	1.308	1.308	1.231	1.539	2.308	1.308	1	2.462	2.3077
Fis	0.984	0.036	0.922	0.692	0.887	0.904	0.822	0.95	0.817	0.984	0.968	0.799	0.992	0.717	0.701	0.757	0.528	0.603	0.492	NA	0.933	0.914

He : diversité de Nei ou hétérozygotie attendue (estimateur non biaisé selon Nei 1978)

Ho : hétérozygotie observée

Au contraire, les populations de Gaston, Jules et Lucien présentent des diversités extrêmement fortes, supérieures à 30%. Des valeurs intermédiaires sont obtenues pour les RB de Aimé et Rémi, ainsi que pour le Rouge du Roc et le numéro 23761 de la collection. Similairement, le nombre moyen d'allèles détectés dans chaque population varie de 1 (RB-Basile-Mel03) à 3,46 (RB-Gaston06) (tabl. II). L'hétérozygotie observée donne en théorie une indication sur les croisements et permet l'estimation du taux d'allogamie. Nous ne l'avons pas fait ici car une partie des marqueurs microsatellites présentait des profils ambigus pour les hétérozygotes dus à la présence de stutters. Il faudra l'estimer sur le jeu de marqueurs le plus approprié lorsque nous aurons complété les données de génotypage. Ici, les taux d'hétérozygotie sont le plus souvent inférieurs à 1 % (populations d'Aimé, Jules, Marcel, Paul, Rémi, accession de la collection 6310 et populations RB-Basile-Isol06, RB-Basile-Mel03, RB-Denis06). Les autres sont compris entre 1 et 7%. Ces valeurs faibles sont cohérentes avec le régime de reproduction majoritairement autogame du blé, mais indiquent malgré tout l'existence quasi-systématique de quelques croisements au moins.

3.3. Variabilité phénotypique pour les caractères de précocité

L'évaluation phénotypique en station montre que des populations d'origines différentes sont significativement différentes pour leur développement précoce, leur date d'épiaison en conditions vernalisées (fig. 4) et leur besoin en vernalisation. L'héritabilité pour la date d'épiaison en conditions vernalisées varie de 0.71 à 0.87 indiquant qu'une part prédominante de la variation entre échantillons est due à des différences génétiques. De plus, les populations de RB montrent des niveaux de variabilité différents. Par exemple, l'étalement au sein d'une population de la date d'épiaison en conditions vernalisées varie de 2 (collection 23761) à 10 jours (RB-Gaston06, RB-Lucien, RB-Jules) selon l'origine de la variété-population (fig. 4). On trouve ainsi une relation assez nette entre la diversité génétique moléculaire intra-population et la variabilité pour le caractère de précocité d'épiaison, caractère majeur dans l'adaptation climatique. La distribution des types printemps et hiver, déterminés à partir de l'observation en conditions non vernalisées avec semis au printemps, est également très variable allant de 0 à 100% de plantes hiver. Si l'on excepte le Rouge des Charmilles et les deux accessions de la collection 23756 et 23760 qui sont entièrement constituées de plantes de type « hiver », des plantes de type « printemps » sont systématiquement présentes, la population RB-Denis03 étant la plus « hiver » alors que les RB provenant des agriculteurs Émile, Paul, Rémi et Aimé sont très majoritairement « printemps ». L'accession 6310 de la collection présente 65% de plantes « printemps ».

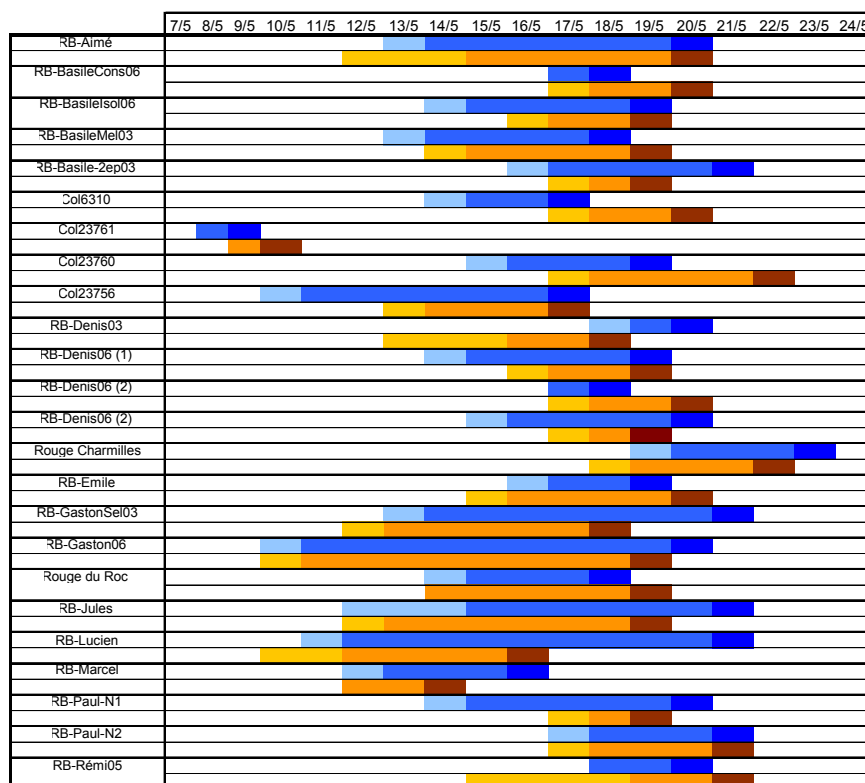


Figure 4 : Distribution des dates d'épiaison des plantes au sein des différentes populations dans le dispositif d'évaluation à la station expérimentale INRA du Moulon avec semis à l'automne 2006. Pour chaque échantillon sont données les dates d'épiaison relevées dans la répétition 1 (la ligne du dessus) et celles relevées dans la répétition 2 (ligne du dessous). En clair, la date correspondant à une ou deux plantes de la parcelle épiées, en plus sombre, l'étalement des épiaisons de 5 à 90 % des plantes, et en très sombre, la date correspondant à 100 % des plantes de la parcelle épiées.

4. DISCUSSION

L'analyse génétique des échantillons de la même variété-population, obtenus auprès de paysans et auprès des gestionnaires de la Collection Nationale montre que la diversité conservée dans les champs et dans les chambres froides est différente, à plusieurs points de vue. Cette remarque n'interdit pas des ressemblances entre les populations cultivées dans certains champs et celles conservées à la collection, en témoigne la ressemblance génétique entre les lots fournis par Basile, Denis et la référence Col6310.

D'une part, les niveaux d'hétérogénéité génétique diffèrent. Les populations caractérisées par une faible variabilité génétique (accessions de la collection, mais également Basile, Denis) sont gérées dans un souci de conservation à l'identique. Cela se traduit par des précautions à différents moments de la mise en culture (tous les dix ans pour la collection lors de la régénération des graines conservées) : isolement des parcelles, évitement des mélanges, élimination des hors-types à la récolte. Le matériel génétique utilisé par ces trois acteurs, issu originellement de la collection Verneuil, héritière de la collection historique Vilmorin, avait par ailleurs pour caractéristique une base génétique relativement faible liée à sa gestion statique conservatrice sur plusieurs décennies.

D'autre part, les différentes populations étudiées se structurent majoritairement en deux groupes génétiquement distincts. Cette structuration s'explique relativement bien par la circulation de semences qui a eu lieu entre le groupe Denis-Basile-Collection INRA d'une part et le groupe Gaston, Jules, Rémi, Paul d'autre part. Il est à noter (ce que ne montre pas la carte des échanges) que le transfert de semences de l'INRA Moulon vers Gaston, ainsi que celui de Basile vers Gaston est relativement récent, en tout cas ultérieur à la diffusion des semences dans le réseau en aval de Gaston – si bien que les semences diffusées par Jules ou Rémi n'ont pas d'origine commune avec celles issues de la collection Vilmorin-Verneuil. Ces semences sont issues de la Communauté de l'Arche (notée Arche 47), une communauté d'inspiration gandhienne créée dans les années soixante-dix. Cette observation nous amène à formuler l'hypothèse du rôle de passeur intergénérationnel qu'auraient joué les communautés de néo-ruraux, du fait de l'intérêt précurseur qu'elles ont porté aux variétés paysannes et locales et de leur position centrale et visible au sein de certains réseaux agricoles [18].

L'adaptation locale aux conditions du milieu et aux pratiques paysannes peut également expliquer une part de la structuration de la diversité. La précocité d'épiaison, ainsi que les besoins en vernalisation, sont des caractères majeurs de l'adaptation climatique, et leur diversification au sein de populations d'origine commune est à mettre en relation avec les résultats de l'expérimentation Gestion dynamique [14], [31]. Les pratiques paysannes sont elles aussi diversifiantes, comme en témoigne par exemple le semis accidentel par Aimé de son RB au printemps, qui a contribué à la contre-sélection dans sa population des types « hiver ». La sélection, ici induite, est parfois délibérée : ainsi la population Rouge du Roc est-elle une sélection d'épis « barbus » réalisée par Gaston dans une parcelle de RB qui aboutit à une certaine différenciation par rapport au génotype de la population d'origine. Ainsi la diversité des populations de blé cultivées est à mettre en relation à la fois avec la diversité des conditions pédoclimatiques et avec la

diversité des stratégies paysannes [2], [23], [22], [28], [29]. Chercher à optimiser la conservation à la ferme en préconisant aux agriculteurs un type donné de gestion pourrait conduire à un effet paradoxal, à savoir l'uniformisation des choix et des pratiques, alors que la propriété diversifiante de ce dispositif repose précisément sur la diversité des environnements et des stratégies de culture.

La grande hétérogénéité de la variété-population Rouge de Bordeaux, constatable ici à travers l'éclatement génétique des populations qui la représentent, nous interroge sur la délimitation de cette catégorie variétale. La majorité des personnes apparaissant dans le réseau d'échange identifient le lot de semences qu'ils reçoivent grâce aux indications qui leur sont simultanément fournies. Par le nom, attribut essentiel des semences, mais aussi par les informations associées lors de l'échange (usages, origine, histoire), une certaine continuité génétique et culturelle des variétés est ainsi assurée. La dénomination des semences est d'autant plus importante de nos jours que la disparition des variétés anciennes dans le paysage agricole s'est accompagnée de l'oubli de leurs caractères phénotypiques. Mais l'identification des populations majoritairement par leur filiation n'exclut pas le recours ponctuel aux critères phénotypiques. Cette étude nous en fournit trois exemples : (i) la « variété » Rouge des Charmilles est issue d'une opération de re-nomination par un paysan, d'une population initialement qualifiée de RB, mais qu'il jugeait atypique (elle est de fait éloignée génétiquement des autres populations de RB) ; (ii) la population de Marcel a été constituée sur critères phénotypiques à partir d'un mélange de 20 variétés qui contenait initialement du RB ; (iii) du côté de la collection, deux des accessions notées « type RB » (Col23760 et Col23756) se sont avérées après enquête être des blés de Haute-Loire, à épis rouges, rebaptisés « type RB » lors de leur entrée dans la collection**.

Cette définition multiple de la *variété*, aux contours imprécis et laissés à l'appréciation de chacun, pose la question de la nature de ce qui est conservé/cultivé sous un nom variétal donné : le type qui correspond le plus fidèlement possible au type conservé dans la collection historique ? Une diversité génétique issue de la variété-population d'origine, mais qui aurait évolué au cours depuis sous l'effet des pressions de sélection rencontrées pendant des décennies de cycles de culture ? Un ensemble génétiquement

** L'absence apparente de filiation de ces deux accessions avec la variété-population RB explique leur position excentrée dans l'arbre par rapport aux autres échantillons de RB. C'est grâce aux informations recueillies lors de la mise en collection de l'accession que nous avons pu revenir à la personne qui avait fourni l'échantillon, et parachever l'identification de la variété-population d'origine. D'où l'importance de noter lors du recueil de semences, à la ferme, le maximum d'informations permettant d'en reconstituer la généalogie, en partenariat avec les détenteurs de savoirs vivants que sont les agriculteurs collectionneurs.

hétérogène mais exprimant des phénotypes convergeant vers la description phénotypique de la variété ? Une reprise des analyses avec plus de marqueurs et une analyse des génotypes multilocus nous permettraient d'établir plus précisément les relations entre les individus appartenant à des échantillons différents et de savoir s'il s'agit de recombinants ou de mélanges de génotypes d'origine hétérogène. Et ainsi d'évaluer la part de variabilité issue de recombinaisons génétiques au sein de la variété-population RB ancestrale, et celle associée à des mélanges avec des populations d'origine différente. Il faut noter cependant que les échanges et mélanges de semences ainsi que les flux de gènes non contrôlés font partie intrinsèque de la dynamique des systèmes traditionnels de gestion à la ferme et ne remettent pas en question le « périmètre » phénotypique des variétés-populations ainsi maintenues, comme cela a été décrit notamment dans le cas des variétés de maïs au Mexique [28], [29]. Les flux de gènes (force homogénéisante) sont alors contrebalancés par la sélection divergente (force diversifiante). Dans ces contextes, les variétés cultivées à la ferme dérivent bien d'une variété ancestrale, tout en incorporant une part de diversité exogène.

Même si la caractérisation des mécanismes en jeu et la connaissance de la nature de la diversité conservée dans la gestion à la ferme sont encore partielles, il nous semble que nous présentons ici les premiers éléments indiquant que des réseaux d'agriculteurs en France apportent à la gestion de la diversité génétique une contribution positive et originale, complémentaire de celle, centrale des collections *ex situ*. Ces éléments nous conduisent à inciter l'ensemble des acteurs de la gestion du vivant à développer, pour plus de sécurité et d'efficacité des dispositifs de conservation, un passage plus régulier des ressources d'un compartiment à l'autre :

- **Des champs à la collection**, afin d'assurer la conservation de ressources encore menacées d'érosion du fait de leur insuffisante diffusion dans le paysage agricole français. L'analyse génétique a montré la façon dont l'accession Col-23761 et la population Rouge du Roc dont elle était issue avaient divergé, alors que la première était censée représenter la deuxième. Il conviendra pour éviter cet écueil de veiller à prélever des échantillons sur un volume significatif et de procéder à des prélèvements réguliers rendant compte de l'évolution des populations dans leur milieu agricole.
- **De la collection aux champs**, afin de permettre aux ressources génétiques conservées de se rediversifier en évolution conjointe avec les agrosystèmes, et de permettre aux agriculteurs l'usage de variétés reléguées par le marché et, de ce fait, difficilement accessibles ailleurs.

Ainsi, il conviendrait pour une meilleure gestion des ressources génétiques, de renforcer les partenariats pour l'heure informels entre agriculteurs et gestionnaires de collection.

La reconnaissance de cette gestion évolutive par les acteurs institutionnels de la conservation des ressources génétiques nous apparaît aujourd'hui incontournable, ce qui nous conduit des questions d'ordre stratégique. Entre deux objectifs complémentaires mais parfois contradictoires, la conservation à l'identique des variétés patrimoniales et le développement du potentiel évolutif des ressources génétiques, quelle priorité les acteurs institutionnels de la conservation se donnent-ils ? Sachant qu'au regard de la biodiversité cultivée dans les champs, comment envisagent-ils d'organiser et de coordonner leurs efforts avec ceux des paysans ? Par ailleurs, ces résultats conduisent à des considérations sur la nécessité de faire évoluer la réglementation. Actuellement, le règlement UPOV en vigueur en France interdit toute transaction (marchande ou non) de semences autres que celles correspondant aux variétés inscrites au catalogue officiel des obtentions végétales. Si l'Europe permet des mesures d'exception pour la conservation *in situ* des variétés dites « de conservation » (directive européenne 98/95CE), si d'autres pays d'Europe (l'Italie par exemple) semblent aujourd'hui plus avancés dans la prise en compte réglementaire de la conservation à la ferme, la France dispose d'un nombre d'expériences et d'un recul sur celle-ci qui la place en bonne position pour contribuer significativement à l'aménagement de cette réglementation. Afin d'avancer dans ce sens, une étude basée sur des expérimentations et l'analyse de cas est en cours actuellement dans le projet européen STREP « FarmSeedOpportunities » (<http://www.farmseed.net/home/>).

REMERCIEMENTS

Nous remercions les agriculteurs qui ont eu la patience et la gentillesse de répondre à nos questions, ainsi que ceux qui se sont prêtés à cette recherche en participant à l'enquête ou en intégrant leur variété au protocole expérimental. Nous remercions Xavier Raffoux, Delphine Madur, Valérie Combes et Fabrice Dumas pour l'extraction des ADN, ainsi que Charles Poncet et la plate-forme de Clermont-Ferrand pour le génotypage microsatellite. Merci également à Julie Dawson, qui a assuré les traductions en anglais. Cette recherche s'est déroulée dans le cadre du programme bisannuel (2005-2007) « Étude des complémentarités entre modes de gestion dynamique (à la ferme ou en station) et statique à partir du cas du

blé tendre », piloté par I. Goldringer et financé par le Bureau des Ressources Génétiques.

RÉFÉRENCES BIBLIOGRAPHIQUES

- [1] Almekinder C. J. M., de Boef W., Engels J., 2000. - Synthesis between crop conservation and development. In: Almekinders C., de Boef W. (Eds), Encouraging Diversity. The conservation and development of plant genetic resources. Intermediate Technology Publications, London, pp. 330-338.
- [2] Alvarez N., Garine E., Khasa C., Dounias E., Hoassaert-McKey M., McKey D., 2005. - Farmer's practices, metapopulation dynamics, and conservation of agricultural biodiversity on-farm: a case study of sorghum among the Duupa in sub-sahelian Cameroun. *Biological Conservation* 121: 533-543.
- [3] Belkhir K., Borsa P., Chikhi L., Raufaste N., Bonhomme F., 2004. - GENETIX 4.05, logiciel sous Windows TM pour la génétique des populations. Laboratoire Génome, Populations, Interactions, CNRS UMR 5000, Université de Montpellier II, Montpellier (France), <http://www.genetix.univ-montp2.fr/genetix/genetix.htm>.
- [4] Berthaud J., Clément J. C., Emperaire L., Louette D., Pinton F., Sanou J., Second G., 2001. - The role of local level gene flow in enhancing and maintaining genetic diversity. In: Cooper H.D, Spillane C, Hodgkin T (Eds) Broadening the genetic diversity of crop production, CABI Publishing in association FAO and IPGRI, Rome, Italy, pp. 81-103.
- [5] Bonneuil C., Demeulenaere E., 2007. - Vers une génétique de pair à pair ? L'émergence de la sélection participative, in Charvolin F., Micoud A., Nyhart L.K.. (Eds.), Des sciences citoyennes ? La question de l'amateur dans les sciences naturalistes. L'Aube, La Tour d'Aigues, pp. 122-147
- [6] Bonneuil C., Thomas F., 2008. - Gènes, pouvoirs et profits. La recherche publique dans les transformations des régimes de production des savoirs en génétique végétale de Mendel aux OGM. à paraître, Quae, Paris.
- [7] Bustarret J., 1944. - Variétés et variations. AA: 336-362.
- [8] Carrascosa Garcia M., 2003. - Enquêtes sur les expériences et savoir-faire "Semences paysannes, biologiques et biodynamiques" dans les campagnes françaises. [En ligne sur : http://www.semencespaysannes.org/images/imagesFCK/file/publications/etude_carrascosa.pdf]
- [9] Elias M., McKey D., Panaud O., Mc Anstett, Robert T., 2001. - Traditional management of cassava morphological and genetic diversity by the Makushi Amerindians (Guyana, South America): perspectives for on-farm conservation of crop genetic resources. *Euphytica*, 120: 143-157.
- [10] Emperaire L., 2000-2004. — La biodiversité agricole en Amazonie brésilienne : ressource et patrimoine. *JATBA*, 42: 113-126.
- [11] Enjalbert J., Goldringer I., Paillard S., Brabant P., 1999. - Molecular markers to study genetic drift and selection in wheat populations. *Journal of experimental botany*, 50: 283-290.

- [12] Goldringer I., Enjalbert J., Raquin A.-L., Brabant P., 2001. - Strong selection in wheat populations during ten generations of dynamic management. *Genetics, Selection, Evolution*, 33: S441-S463.
- [13] Goldringer I., Enjalbert J., David J., Paillard S., Pham J.-L., Brabant P., 2001. - Dynamic management of genetics resources a 13-year experiment on wheat. In: Cooper H.D., Spillane C., Hodgkin T. (Eds), *Broadening the Genetic Base of Crop Production*. IPGRI/FAO, Rome, Italie, pp. 245-260.
- [14] Goldringer I., Prouin C., Rousset M., Galic N., Bonnin I., 2006. - Rapid differentiation of experimental populations of wheat for heading time in response to local climatic conditions. *Annals of Botany*, 98: 805-817.
- [15] Goudet J., 2002. - FSTAT version 2.9.3.2. A program to estimate and test gene diversities and fixation indices. Institut of Ecology, Lausanne, Switzerland, Available from <http://www.unil.ch/izea/software/fstat.html>. Updated from Goudet (1995).
- [16] Guyomarc'h H., Sourdille P., Charmet G., Edwards K.J., Bernard M., 2002. - Characterisation of polymorphic microsatellite markers from *Aegilops tauschii* and transferability to the D-genome of bread wheat. *Theoretical Applied Genetics*, 104: 1164-1172.
- [17] Henry J.-P., Pontis C., David J.-L., Gouyon P.-H., 1991. - An experiment on dynamic conservation of genetic resources with metapopulations, In: Seitz A., Loeschcke V. (eds), *Species Conservation: a Population Biological Approach*, Basel, pp. 185-198.
- [18] Hervieu-Léger D., Hervieu B., 2005. — *Le retour à la nature*. L'Aube, La Tour d'Aigues (1^{ère} éd. 1979, Seuil).
- [19] Lavigne C., Reboud X., Lefranc M., Porcher E., Roux F., 2001. - Evolution of genetic diversity in metapopulations: *Arabidopsis thaliana* as an experimental model. *Genetics, Selection, Evolution* 33: S399-S423.
- [20] Le Boulc'h V., David J., Brabant P., de Vallavieille-Pope C., 1994. Dynamic conservation of variability: responses of wheat populations in different selective forces including powdery mildew, *Genetics Selection Evolution*, 26: S221-S240.
- [21] Louette D., Charrier A., Berthaud J., 1997. - *In situ* conservation of maize in Mexico genetic diversity and maize seed management in a traditional community. *Econ. Bot.* 51: 20-38.
- [22] Louette D., Smale, 2000. - Farmers' seed selection practices and traditional maize varieties in Cuzalapa, Mexico. *Euphytica*, 113: 25-41.
- [23] McKey D., Emperaire L., Elias M., Pinton F., Robert T., Desmoulière S., Rival L., 2001. - Gestions locales et dynamiques régionales de la diversité variétale du manioc en Amazonie. / *Genetics, Selection et Evolution* 33 (supplement 1): S465-S490.
- [24] Nei M., 1987. - *Molecular Evolutionary Genetics*. Columbia University Press, New York, 512 p.
- [25] Paillard S., Goldringer I., Enjalbert J., Doussinault G., de Vallavieille-Pope C., Brabant P., 2000a. - Evolution of resistance against powdery mildew in winter wheat populations conducted under dynamic management. I- Is specific seedling resistance selected? *Theoretical Applied Genetics*, 101: 449-456.
- [26] Paillard S., Goldringer I., Enjalbert J., Trottet M., David J., De Vallavieille-Pope C., Brabant P., 2000b. - Evolution of resistance against powdery mildew in win-

- ter wheat populations conducted under dynamic management. II- Adult plant resistance. *Theoretical and Applied Genetics*, 101: 457-462.
- [27] Porcher E., Giraud T., Goldringer I., Lavigne C., 2004. - Experimental demonstration of a causal relationship between heterogeneity of selection and genetic differentiation at quantitative traits. *Evolution*, 58: 1434-1445.
 - [28] Pressoir G., Berthaud J., 2004a. - Pattern of population structure in maize landraces from the central valley of Oaxaca in Mexico.. *Heredity*, 92: 88-94.
 - [29] Pressoir G., Berthaud J., 2004b. - Population structure and strong divergent selection shape phenotypic diversification in maize landraces. *Heredity*, 92: 95-101.
 - [30] Reynolds M.P., Borlaug N.E., 2006. - Applying innovations and new technologies for international collaborative wheat improvement. *Jour. Agri. Sci.*, 144: 95-110.
 - [31] Rhoné B., Remoué C., Galic N., Goldringer I., Bonnin I., 2008. - Insight into the genetic bases of climatic adaptation in experimentally evolving wheat populations. *Molecular Ecology*, 17: 930-943.
 - [32] Röder M., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M.H., Leroy P., Ganal M., 1998. - A microsatellite map of wheat. *Genetics*, 149: 2007-2023.
 - [33] Roussel V., Koenig J., Beckert M., Balfourier F., 2004. - Molecular diversity in French bread wheat accessions related to temporal trends and breeding programmes. *Theoretical and Applied Genetics*, 108: 920-930.
 - [34] RSP, 2003. -- Cultivons la biodiversité dans les fermes, Actes des premières rencontres Semences Paysannes, Auzeville, 27-28 février 2003. [En ligne : http://www.semencespaysannes.org/images/imagesFCK/file/publications/actes_auzeville.pdf]
 - [35] Smith M.E., Fernando C.G., Gomez F., 2001. - Participatory plant breeding with maize in Mexico and Honduras. *Euphytica*, 122: 551-565.
 - [36] Weir B.S., Cockerham C.C., 1984. - Estimating F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution*, 38: 1358-1370.